



TITLE:

# ウイルスゲノムの解析

AUTHOR(S):

吉川, 元貴

---

CITATION:

吉川, 元貴. ウイルスゲノムの解析. 京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステム研究成果報告書 2018, 2017: 23-23

ISSUE DATE:

2018-03

URL:

<http://hdl.handle.net/2433/230724>

RIGHT:

ウイルスゲノムの解析

Viral genome analysis

京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンター化学生命科学研究領域 吉川 元貴

研究成果概要

本研究では、京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステムを利用して、新規ウイルスゲノムの解析を行った。具体的には、青枯病菌に感染するファージ RP12 および RP31、カンキツかいよう病菌に感染するファージ XacN1、アカントアメーバに感染する巨大ウイルス Medusavirus のそれぞれについて、ゲノムを決定し、タンパク質遺伝子の推定と機能予測・tRNA 遺伝子の予測を行った。さらに、分子系統解析などのバイオインフォマティクス解析を行った。

RP12 および RP31 に関しては、RNA ポリメラーゼ (RNAP) の および  $\phi$ サブユニット遺伝子の系統発生解析を行い、祖先ウイルスにおいて起こった遺伝子重複の結果として、ビリオン RNAP と初期発現 RNAP の遺伝子が生じたことを分子系統学的に明らかにした[1]。

XacN1 に関しては、既知のウイルスとしては最多の tRNA 遺伝子を持ち、これらは 20 種類全てのアミノ酸に対応していることが明らかになった。さらに、tRNA 遺伝子とコドン利用頻度の適合性に関する解析を行った結果、XacN1 が持つ tRNA 遺伝子は自身のコドン頻度が宿主のコドン頻度よりも高いコドンに対応する傾向が見出された[2]。

Medusavirus に関しては、核細胞質性大型 DNA ウイルス (Nucleocytoplasmic Large DNA Virus, NCLDV) に共通して保存されている遺伝子群 (コア遺伝子) 47 個のうち 15 個を保持することが判明した。また、分子系統解析により、Medusavirus が既知のウイルスファミリーと進化的に遠い関係にあることが明らかになった。

発表論文 (謝辞あり)

- [1] Matsui, T., Yoshikawa, G., Mihara, T., Chatchawankanphanich, O., Kawasaki, T., Nakano, M., Fujie, M., Ogata, H., and Yamada T., Replications of two closely related groups of jumbo phages show different level of dependence on host-encoded RNA polymerase. *Front. Microbiol.*, **8**, 1010 (2017).
- [2] Yoshikawa, G., Askora, A., Blanc-Mathieu, R., Kawasaki, T., Li, Y., Nakano, M., Ogata, H., and Yamada T., *Xanthomonas citri* jumbo phage XacN1 exhibits a wide host range and high complement of tRNA genes. *Sci. Rep.* (accepted).

発表論文 (謝辞なし)

なし。